การแสดงปาฐกถา ศาสตราจารย์เกียรติคุณ ดร.สิรินทร์ พิบูลนิยม ครั้งที่ 19

และการประชุมวิชาการ ประจำปี 2566

“Omics era:
Current and future perspectives”

เนื่องในวันคล้ายวันสถาปนาสถาบันชีววิทยาศาสตร์โมเลกุล มหาวิทยาลัยมหิดล

ครบรอบปีที่ 14

วันพฤหัสบดีที่ 18 พฤษภาคม 2566

ณ ห้องประชุมศาสตราจารย์เกียรติคุณสิรินทร์ พิบูลนิยม

สถาบันชีววิทยาศาสตร์โมเลกุล มหาวิทยาลัยมหิดล

กำหนดการการแสดงปาฐกถาศาสตราจารย์เกียรติคุณ ดร.สิรินทร์ พิบูลนิยม ครั้งที่ 19

และการประชุมวิชาการ ประจำปี 2566

เวลา	กิจกรรม
08.30–08.50 น.	**ลงทะเบียน**
08.50–09.00 น.	พิธีเปิดการแสดงปาฐกถาฯ และการประชุมวิชาการ โดย ศาสตราจารย์ ดร. นพ.นรัตถพล เจริญพันธุ์ ผู้อำนวยการสถาบันชีววิทยาศาสตร์โมเลกุล
09.00–10.00 น.	**ปาฐกถา ศาสตราจารย์เกียรติคุณ ดร.สิรินทร์ พิบูลนิยม ครั้งที่ 19** **หัวข้อ** “Advances in microbial genomics: past, present and future” ผู้แสดงปาฐกถา ศาสตราจารย์ นพ.ประสิทธิ์ ผลิตผลการพิมพ์ ศูนย์จีโนมจุลินทรีย์ ศาสตราจารย์เกียรติคุณ ดร. นพ.พรชัย มาตังคสมบัติ (CENMIG) ภาควิชาจุลชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหิดล
10.00 น.	เรียนเชิญผู้ทรงคุณวุฒิถ่ายภาพหมู่ร่วมกัน
10.00–10.30 น.	พักรับประทานอาหารว่างและชมบูธนิทรรศการ
10.30–12.00 น.	พิธีสงฆ์ ณ บริเวณโถงชั้น 1 อาคารสถาบันชีววิทยาศาสตร์โมเลกุล
12.00–13.00 น.	พักรับประทานอาหารกลางวันและชมบูธนิทรรศการ
13.00–13.40 น.	การบรรยาย หัวข้อ “*Metagenomic analysis of bacterial, fungal and viral microbiota*.” โดย ศาสตราจารย์ ดร.สัญชัย พยุงภร ภาควิชาชีวเคมี คณะแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
13.40–14.20 น.	การบรรยาย หัวข้อ *“Mechanism of pre-killing (MOK): antimicrobial discovery through bacteriophage genomics”* โดย ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.วรพนธ์ ชัยกีรติศักดิ์ ภาควิชาชีวเคมี คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
14.20–14.40 น.	พิธีมอบรางวัลศิษย์เก่าดีเด่น ประจำปี พ.ศ. 2566
14.40–14.50 น.	เรียนเชิญผู้เข้าร่วมประชุมถ่ายภาพหมู่ร่วมกัน
14.50–15.00 น.	พักรับประทานอาหารว่างและชมบูธนิทรรศการ

เวลา	กิจกรรม
15.00–15.40 น.	การบรรยาย หัวข้อ *“Mass spectrometry-based peptidomics and proteomics”* โดย ดร.สิทธิรักษ์ รอยตระกูล ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ (สวทช.)
15.40–16.20 น.	การบรรยาย หัวข้อ *“In silico docking and molecular dynamics for small-molecule drug discovery”* โดย อาจารย์ ดร.จิราพร ปานมณี ศูนย์วิจัยประสาทวิทยาศาสตร์ สถาบันชีววิทยาศาสตร์โมเลกุล
16.20 น.	พิธีปิดการประชุม กล่าวปิดประชุมโดย : ศาสตราจารย์ ดร. นพ.นรัตถพล เจริญพันธุ์ ผู้อำนวยการสถาบันชีววิทยาศาสตร์โมเลกุล มหาวิทยาลัยมหิดล

ศาสตราจารย์ นพ.ประสิทธิ์ ผลิตผลการพิมพ์

จบการศึกษาแพทยศาสตร์บัณฑิต (เกียรตินิยมอันดับหนึ่งเหรียญทอง) จากคณะแพทยศาสตร์รามาธิบดี และได้รับวุฒิบัตรด้านกุมารเวชศาสตร์จากมหาวิทยาลัยเชียงใหม่ เริ่มรับราชการในสังกัดกระทรวงสาธารณสุข ปฏิบัติงาน ณ โรงพยาบาลอำเภอระโนดและสะเดา จังหวัดสงขลา ต่อมาได้ย้ายมาปฏิบัติราชการที่ภาควิชาจุลชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหิดล จนถึงปัจจุบัน มีความเชี่ยวชาญทางด้านจุลชีววิทยาของเชื้อวัณโรค โดยเฉพาะอย่างยิ่งทางระบาดวิทยาระดับโมเลกุล จีโนมิกส์ และการค้นหายาใหม่ มีบทบาทสำคัญในการก่อตั้งและการดำเนินการของศูนย์วิจัยจีโนมจุลินทรีย์ ศาสตราจารย์พรชัย มาตังคสมบัติ

มีผลงานวิจัยรวมมากกว่า 100 เรื่อง สิทธิบัตร 3 เรื่อง ผลงานวิจัยมีการอ้างอิงมากกว่า 2,700 ครั้ง และมี h-index เท่ากับ 25 เป็นหนึ่งในนักวิจัย Top 1% ของมหาวิทยาลัยมหิดล 2565 เป็นกรรมการบรรณาธิการและ reviewers ของวารสารระดับนานาชาติหลายแห่ง

ตัวอย่างผลงานที่สำคัญได้แก่ การร่วมพัฒนาวิธีการจำแนกสายพันธุ์เชื้อวัณโรคด้วยวิธี VNTR typing และวิธีการตรวจกรองหาสารต้านเชื้อวัณโรคเรียกว่า GFPMA วิธีการทั้งสองมีผู้ใช้กันอยู่ทั่วโลกในปัจจุบัน ได้ค้นพบเชื้อวัณโรคสายพันธุ์ใหม่ๆ เช่น สายพันธุ์นนทบุรี ฯลฯ และสารที่มีศักยภาพที่จะเป็นยาต้านวัณโรค เช่น ACA จากข่า และ cloxyquin

ศ.ประสิทธิ์ เคยเป็นรองอธิการบดีฝ่ายวิจัยของมหาวิทยาลัยมหิดล รองผู้อำนวยการสำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ (สวทช.) และศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ (BIOTEC) เคยเป็นกรรมการบริหารสถาบันหลายแห่ง เช่น สถาบันวิจัยระบบสาธารณสุข สถาบันวัคซีนแห่งชาติ คณะกรรมการวัคซีนแห่งชาติ ฯลฯ ได้ร่วมก่อตั้งและเคยเป็นกรรมการบริหารศูนย์ความเป็นเลิศทางชีววิทยาศาสตร์, APAIR (Asia Pacific Avian Influenza Research network), APEIR (Asia Partnership on Emerging Infectious Disease Research) และ APRI (Asia and Pacific Rim Research Integrity) Network ปัจจุบันเป็น กรรมการสภามหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ กรรมการสภามหาวิทยาลัยทักษิณ กรรมการบริหารคณะแพทยศาสตร์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ และคณะเทคนิคการแพทย์มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์

CURRICULUM VITAE

Professor Sunchai Payungporn, Ph.D.

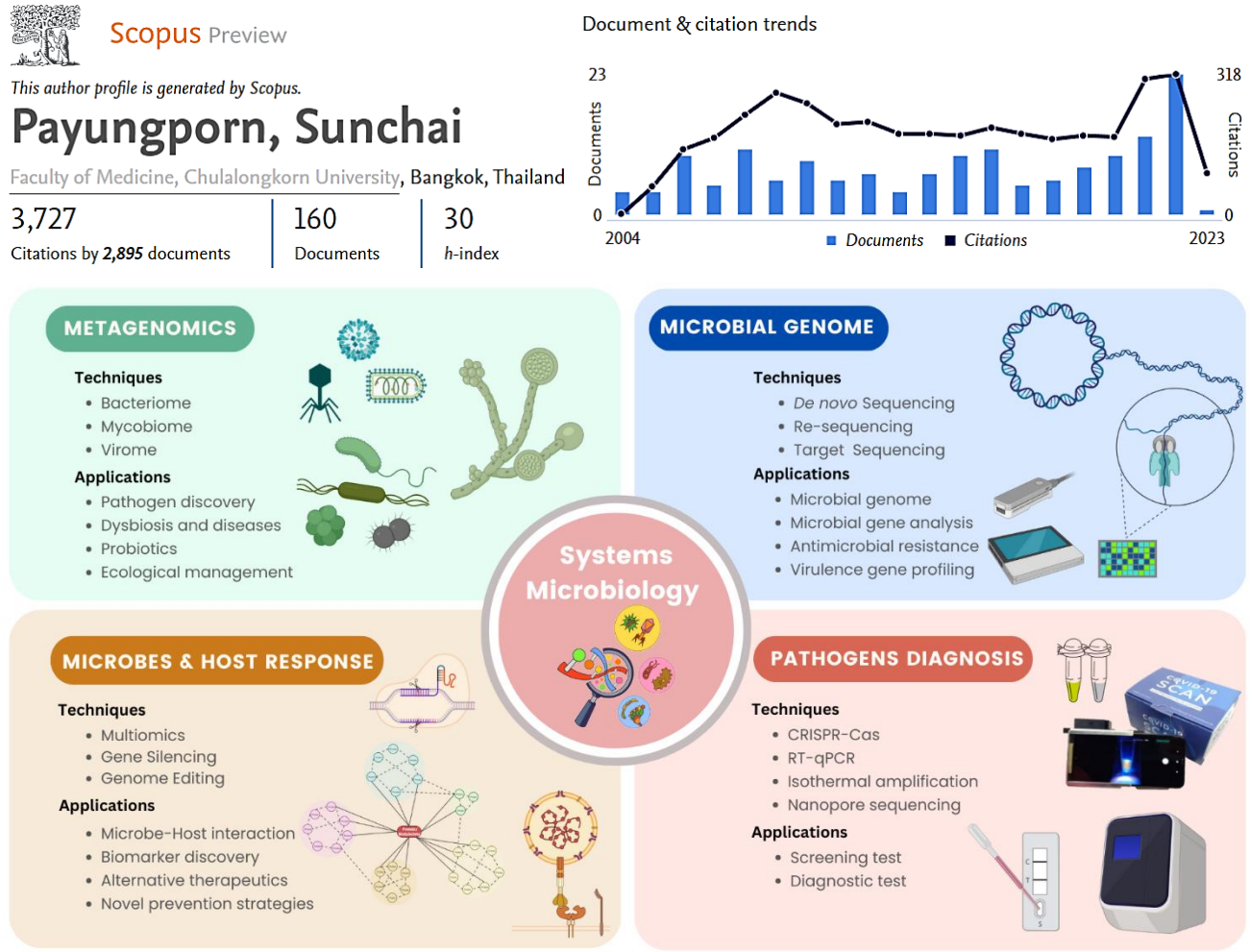
Center of Excellence in Systems Microbiology,

Department of Biochemistry,

Faculty of Medicine, Chulalongkorn University

E-MAIL: sp.medbiochemcu@gmail.com Mobile: 089-108-3179

Google Scholar



BIOGRAPHY

ปัจจุบัน ศ.ดร.สัญชัย พยุงภร เป็นหัวหน้าศูนย์เชี่ยวชาญเฉพาะทางด้านจุลชีววิทยาเชิงระบบ (Center of Excellence in Systems Microbiology) ภาควิชาชีวเคมี คณะแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย โดยมีเป้าหมายในการศึกษาอณูชีววิทยาของเชื้อจุลชีพแบบองค์รวมซึ่งมีส่วนสำคัญในการเสริมสร้างองค์ความรู้ใหม่ และความก้าวหน้าทางด้านวิทยาศาสตร์การแพทย์ ยกระดับงานวิจัยขั้นสูงและผลิตผลงานวิจัยที่มีมาตรฐานระดับนานาชาติ ตลอดจนสร้างสรรค์นวัตกรรมทางการแพทย์ในการตรวจวินิจฉัย ป้องกัน และรักษาโรคติดเชื้อในคนและสัตว์ ทั้งนี้หน่วยปฏิบัติการจุลชีววิทยาเชิงระบบ ประกอบด้วย 4 สาขา ได้แก่

- Metagenomics มีเป้าหมายในการระบุและจำแนกเชื้อจุลชีพชนิดต่างๆ จากข้อมูลรหัสพันธุกรรม เพื่อให้เกิดองค์ความรู้ในด้านชนิด ปริมาณ และความหลากหลายทางชีวภาพของเชื้อจุลชีพ ที่พบในคน สัตว์ และสิ่งแวดล้อม
- Microbial Genome มีเป้าหมายในการศึกษายีนและจีโนมของเชื้อจุลชีพ เพื่อให้เกิดความเข้าใจ เกี่ยวกับบทบาทของยีนในเชื้อจุลชีพที่เกี่ยวข้องกับลักษณะต่างๆ เช่น การเพิ่มจำนวนเชื้อ อัตราการแพร่เชื้อ ความรุนแรงในการก่อโรค และความสามารถในการดื้อยา เป็นต้น
- Microbes & Host Response มีเป้าหมายในการศึกษาปฏิสัมพันธ์ในระดับอณูชีววิทยาระหว่างเชื้อจุลชีพและโฮสต์ โดยอาศัยการวิเคราะห์เชิงพหุโอมิกส์ (Multi-omics analysis) เพื่อให้เข้าใจกลไกการก่อโรคของเชื้อจุลชีพและกลไกการตอบสนองของโฮสต์ต่อเชื้อจุลชีพ ซึ่งจะนำไปสู่การพัฒนาวิธีการป้องกัน และรักษาโรคติดเชื้อ
- Pathogens Diagnosis มีเป้าหมายในการประยุกต์ใช้เทคนิคทางด้านอณูชีววิทยา เพื่อพัฒนาชุดตรวจคัดกรองและชุดตรวจวินิจฉัยเชื้อจุลชีพก่อโรคในคน และสัตว์ ได้อย่างจำเพาะ แม่นยำ รวดเร็ว และมีราคาถูก

AWARDS:

ปี พ.ศ.	รางวัล	จากหน่วยงาน
2565	รางวัล "นักชีวเคมีและชีววิทยาโมเลกุลดีเด่น" ประจำปี พ.ศ. 2565	สาขาชีวเคมีและชีววิทยาโมเลกุล สมาคมวิทยาศาสตร์แห่งประเทศไทย ในพระบรมราชูปถัมภ์
2565	รางวัลการวิจัยแห่งชาติ: รางวัลผลงานประดิษฐ์คิดค้น ระดับดีมาก สาขาวิทยาศาสตร์การแพทย์ ประจำปีงบประมาณ 2565 เรื่อง “ชุดตรวจคัดกรอง COVID-19 SCAN”	สำนักงานการวิจัยแห่งชาติ (วช.)
2555	รางวัลนักวิจัยรุ่นเยาว์ สาขาวิทยาศาสตร์สุขภาพ เรื่อง “การศึกษาอณูชีววิทยาของเชื้อไวรัสอุบัติใหม่และอุบัติซ้ำในประเทศไทย”	กองทุนรัชดาภิเษกสมโภช จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
2554	รางวัลเพื่อส่งเสริมความเป็นเลิศในการปฏิบัติงานด้านการเรียนการสอนสำหรับอาจารย์รุ่นใหม่	กองทุนกาญจนาภิเษกเฉลิมพระเกียรติ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
2550	รางวัลทะกุจิ ประเภทวิทยานิพนธ์ดีเด่น ระดับปริญญาเอก เรื่อง “Molecular characterization and molecular diagnosis of recently emerged influenza A viruses”	สมาคมเทคโนโลยีชีวภาพ แห่งประเทศไทย
2550	รางวัลการเสนอผลงาน ดีเด่น ระดับปริญญาเอก เรื่อง “Identification of host genes involving in the replication of influenza A viruses”	งานประชุม Chula Medical Expo คณะแพทยศาสตร์ จุฬาฯ
2547	รางวัลการเสนอผลงานแบบโปสเตอร์ดีเด่น เรื่อง “Simultaneous quantitation and genotyping of hepatitis B virus by real-time PCR and melting curve analysis”	งานประชุม RGJ-Ph.D. Congress สำนักงานกองทุนสนับสนุนการวิจัย (สกว.)
2545	รางวัล Senior project ดีเด่น เรื่อง “Identification of genes which respond to White-Spot Syndrome Virus (WSSV) in black tiger shrimp (*Penaeus monodon*)”	ภาควิชาชีวเคมี คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาฯ

Metagenomic Analysis of Bacterial, Fungal and Viral Microbiota

Prof.Sunchai Payungporn, Ph.D.

Center of Excellence in Systems Microbiology (CESM)

Department of Biochemistry, Faculty of Medicine, Chulalongkorn University

Metagenomic analysis is a rapidly evolving field of research that involves the study of genetic material from a variety of microorganisms that allows for the characterization of complex microbial communities, including bacteria, fungi, and viral microbiota. The main objective of the metagenomic analysis is to identify and characterize the genetic material of these microbial communities, which can provide insights into their diversity, composition, function and interactions with the host or the environment. This technique involves the sequencing and analysis of genetic material directly extracted from samples obtained from humans, animals or environments. Two of the most commonly used approaches for metagenomic analysis are amplicon sequencing and shotgun sequencing.

Amplicon sequencing targets specific regions of the microbial genome, such as the 16S rRNA gene in bacteria or the ITS region in fungi. This approach allows for high-throughput sequencing of these specific regions, providing a detailed picture of the taxonomic composition of the microbial community. Amplicon sequencing is relatively inexpensive and easy to perform, making it an attractive option for large-scale studies. However, this approach has limitations regarding functional profiling and identifying novel microbial species.

On the other hand, shotgun sequencing involves the random sequencing of all DNA fragments in a sample, providing a more comprehensive view of the microbial community. This approach can identify bacterial, fungal and viral microbiota and their functional potential, making it more suitable for exploring the metabolic pathways and interactions within microbial communities. However, shotgun sequencing is more expensive and computationally intensive than amplicon sequencing, requiring more advanced bioinformatics tools for data analysis.

In conclusion, both amplicon sequencing and shotgun sequencing are valuable tools for the metagenomic analysis of microbial communities, and each approach has its own advantages and limitations. Choosing the appropriate approach depends on the research question, the complexity of the microbial community, and the available resources for sequencing and bioinformatics analysis.

Overall, metagenomic analysis is a powerful tool for studying the diversity, composition, and function of bacterial, fungal, and viral microbiota. By providing a comprehensive view of these complex microbial communities, metagenomic analysis can help researchers develop new strategies for managing environmental resources, preventing infectious diseases, and improving human health.

Keywords: Metagenomic, Bacteria, Fungi, Virus, Microbiota

Principal investigator CV

ชื่อ นามสกุล	วรพนธ์ ชัยกีรติศักดิ์
สถาบัน	ภาควิชาชีวเคมี คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
อีเมล	vorrapon.c@chula.ac.th
ผู้ร่วมก่อตั้ง	The Microbe Lab (https://themicrobelab.wordpress.com)

Academic Position:

Since 2021	ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ในสาขาวิชาชีวเคมี ภาควิชาชีวเคมี คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
2018 – 2021	อาจารย์ ในสาขาวิชาชีวเคมี ภาควิชาชีวเคมี คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
Since 2021	Review editor on the Editorial Board of Microbial Physiology and Metabolism in Frontiers in Microbiology
2013 – 2017	นักวิจัยหลังปริญญาเอก ณ Division of Biological Sciences มหาวิทยาลัยแคลิฟอร์เนีย ซานดิเอโก้ ประเทศสหรัฐอเมริกา
2012 – 2013	นักวิจัยหลังปริญญาเอก ณ Department of Cellular and Molecular Medicine, School of Medicine มหาวิทยาลัยแคลิฟอร์เนีย ซานดิเอโก้ ประเทศสหรัฐอเมริกา
2011 – 2012	Visiting scholar ณ Department of Molecular and Cellular Biology มหาวิทยาลัยแคลิฟอร์เนีย เดวิส ประเทศสหรัฐอเมริกา

Education:

2007 – 2012	Doctor of Philosophy (Ph.D.) สาขาวิชาชีวเคมี จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
2007 – 2007	Certificate, General English program, University of Waikato, New Zealand
2005 – 2007	Bachelor of Science (B.Sc.) สาขาวิชาชีวเคมี จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
2002 – 2005	Diploma in Analytical Chemistry สถาบันเคมีปฏิบัติ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

Scholarship, Fellowship and Award:

2022	Young Scientist Award 2022 for Biological Sciences จากคณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
2021	Nominee in Research field “Cell Biology” for the 26th Keio Medical Science Prize, Keio University, Japan โดยสำนักงานวิจัยแห่งชาติ (วช.)
2020	The National Research Council Prize for Research โดยสำนักงานวิจัยแห่งชาติ (วช.)

Research grants:

2023 – 2024	ทุนอุดหนุนการวิจัยที่ได้รับจัดสรรเพื่อการวิจัยพื้นฐานจากหน่วยงานภาครัฐ ประจำปีงบประมาณ 2566 ภายใต้แผนปฏิบัติการและแผนงาน ด้านวิทยาศาสตร์ วิจัยและนวัตกรรม (ววน.) จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย (หัวหน้าโครงการวิจัย) การบำบัดรักษาโรคติดเชื้อทางเดินปัสสาวะด้วยเฟจ: การคัด

	แยกและระบุตัวตนเฟจชนิดใหม่ที่มีฤทธิ์ต้านแบคทีเรีย Uropathogenic Escherichia coli (UPEC) เพื่อพัฒนาเป็นต้นแบบยาชีววัตถุ”
2021 – 2024	ทุนพัฒนานักวิจัยรุ่นกลาง ประจำปีงบประมาณ 2564 โดยสำนักงานวิจัยแห่งชาติ (วช.) (หัวหน้าโครงการวิจัย) “Phage therapy: exploration of the hijacking-machinery of Pseudomonas bacteriophage to identify novel antimicrobial biologics”
2019 – 2024	ทุนวิจัยภายใต้โครงการ Japan Science and Technology and Japan International Cooperation Agency (JST/JICA) (ผู้ร่วมโครงการวิจัย) “Utilization of Thailand Local Genetic Resources to Develop Novel Farmed Fish for Global Market”
2021 – 2023	ทุนพัฒนาศักยภาพในการทำงานวิจัยของอาจารย์รุ่นใหม่ ประจำปีงบประมาณ 2563 โดยสำนักงานปลัดกระทรวงการอุดมศึกษา วิทยาศาสตร์ วิจัยและนวัตกรรม (สป.อว.) (หัวหน้าโครงการวิจัย) “Phage therapy for *Vibrio* infections: Characterization of antimicrobial activity of bacteriophage-derived proteins for potential future biologics”
2021 – 2023	ทุนวิจัยภายใต้โครงการ Overseas Research Grant, The Asahi Glass Foundation (หัวหน้าโครงการวิจัย) “Development of a novel phage-derived endolysin as an outer membrane-penetrating antibacterial against bacterial pathogens in aquaculture”
2021 – 2022	ทุนวิจัยภายใต้โครงการ Sci-Super VII Grant คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย (ผู้ร่วมโครงการวิจัย) “Integrative omics to explore infection machinery of giant bacteriophages and to discover potential phage-derived biologics”
2021 – 2022	ทุนวิจัยภายใต้กองทุนรัชดาภิเษกสมโภช จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย (หัวหน้าโครงการวิจัย) “Isolation and characterization of phages for formulating a phage cocktail for prevention and therapy of acute hepatopancreatic necrosis disease (AHPND) in aquaculture”
2018 – 2020	ทุนพัฒนาศักยภาพในการทำงานวิจัยของอาจารย์รุ่นใหม่ ประจำปีงบประมาณ 2561 โดยสำนักงานคณะกรรมการการอุดมศึกษากับสำนักงานกองทุนสนับสนุนการวิจัย (สกอ) (หัวหน้าโครงการวิจัย) “Phage therapy for Vibrio infections: Isolation and identification of novel giant bacteriophages with broad host spectrum against vibrios”
2018 – 2021	ทุนพัฒนาศักยภาพในการทำงานวิจัยของอาจารย์รุ่นใหม่ กองทุนรัชดาภิเษกสมโภช จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย (หัวหน้าโครงการวิจัย) “Isolation of novel giant bacteriophages exhibiting broad killing spectrum against vibrios”
2018 – 2020	Grants for Center of Excellence of Molecular of Shrimp, Chulalongkorn University (Co-principal investigator) “Isolation and characterization of bacteriophage targeting *Vibrio parahaemolyticus* causing acute hepatopancreas necrosis disease (AHPND)”

Publications:

List of publications		Impact factor
1	Samernate, T., Htoo, H.H., Sugie, J., Chavasiri, W., Pogliano, J., Chaikeeratisak, V.,	5.938

	Nonejuie, P. (2023) High-Resolution Bacterial Cytological Profiling Reveals Intrapopulation Morphological Variations upon Antibiotic Exposure. Antimicrobial agents and chemotherapy, e01307-22	
2	Chaikeeratisak, V., Khanna, K., Nguyen, K.T., Egan, M.E., Enustun, E., Armbruster, E., Lee, J., Pogliano, K., Villa, E., Pogliano, J. (2022) Subcellular organization of viral particles during maturation of nucleus-forming jumbo phage. Science Advances, 8 (18)	14.14
3	Wannasrichan, W., Htoo, H.H., Suwansaeng, R., Pogliano, J., Nonejuie, P., Chaikeeratisak, V. (2022) Phage-resistant *Pseudomonas aeruginosa* against a novel lytic phage JJ01 exhibits hypersensitivity to colistin and reduces biofilm production. Frontiers in microbiology, 13 (1004733)	6.064
4	Htoo, H.H., Tuyet, N.N.T., Nakprasit, K., Aonbangkhen, C., Chaikeeratisak, V., Chavasiri, W., Nonejuie, P. (2022) Mansonone G and its derivatives exhibit membrane permeabilizing activities against bacteria. Plos One, 17 (9)	3.752
5	Chaikeeratisak, V., Birkholz, E.A., Prichard, A.M., Egan, M.E., Mylvara, A., Nonejuie, P., Nguyen, K.T., Sugie, J., Meyer, J.R., Pogliano, J. (2021) Viral speciation through subcellular genetic isolation and virogenesis incompatibility. Nature communications 12 (1), 1-9	14.92
6	Chaikeeratisak, V., Birkholz, E.A., Pogliano, J. (2021) The phage nucleus and PhuZ spindle: defining features of the subcellular organization and speciation of nucleus-forming jumbo phages. Frontiers in Microbiology 12, 641317.	4.235
7	Thammatinna, K., Egan, M.K.E., Htoo, H.H., Khanna, K., Sugie, J., Nideffer, J.F., Villa, E., Tassanakajon, A., Pogliano, J., Nonejuie, P., Chaikeeratisak, V. (2020) A novel vibriophage exhibits inhibitory activity against host protein synthesis machinery. Scientific Reports 10 (1), 2347.	4.379
8	Mendoza, S.D., Nieweglowska, E.S., Govindarajan, S., Leon, L.M., Berry, J.D., Tiwari, A., Chaikeeratisak, V., Pogliano, J., Agard, D.A., and Bondy-Denomy, J. (2020). A bacteriophage nucleus-like compartment shields DNA from CRISPR nucleases. Nature 577, 244–248.	45.819
9	Chaikeeratisak, V., Khanna, K., Nguyen, K.T., Sugie, J., Egan, M.E., Erb, M.L., Vavilina, A., Nonejuie, P., Nieweglowska, E., Pogliano, K., et al. (2019). Viral Capsid Trafficking along Treadmilling Tubulin Filaments in Bacteria. Cell 177, 1771-1780.e12.	36.216
10	Htoo, H.H., Brumage, L., Chaikeeratisak, V., Tsunemoto, H., Sugie, J., Tribuddharat, C., Pogliano, J., and Nonejuie, P. (2019). Bacterial Cytological Profiling as a Tool To Study Mechanisms of Action of Antibiotics That Are Active against *Acinetobacter baumannii*. Antimicrobial agents and chemotherapy 63 (4), e02310-18	4.715
11	Chaikeeratisak, V., Nguyen, K., Egan, M.E., Erb, M.L., Vavilina, A., and Pogliano, J.	8.282

(2017). The Phage Nucleus and Tubulin Spindle Are Conserved among Large *Pseudomonas* Phages. Cell reports 20 (7), 1563-1571

12 Chaikeeratisak, V., Nguyen, K., Khanna, K., Brilot, A.F., Erb, M.L., Coker, J.K.C., Vavilina, A., Newton, G.L., Buschauer, R., Pogliano, K., et al. (2017). Assembly of a nucleus-like structure during viral replication in bacteria. Science 355, 194–197. 37.205

13 Erb, M.L., Kraemer, J.A., Coker, J.K.C., Chaikeeratisak, V., Nonejuie, P., Agard, D.A., and Pogliano, J. (2014). A bacteriophage tubulin harnesses dynamic instability to center DNA in infected cells. Elife 3, e03197. 9.322

14. Chaikeeratisak, V., Tassanakajon, A., Armstrong, P.B. (2014) Interaction of pathogenic vibrio bacteria with the blood clot of the pacific white shrimp*, Litopenaeus vannamei*. The Biological Bulletin 226 (2), 102-110. 1.638

15. Chaikeeratisak, V., Somboonwiwat, K., Tassanakajon, A. (2012) Shrimp Alpha-2-Macroglobulin Prevents the Bacterial Escape by Inhibiting Fibrinolysis of Blood Clots. Plos one 7 (10), e47384. 3.73

16. Chaikeeratisak, V., Somboonwiwat, K., Wang, H.C., Lo, C.F., Tassanakajon, A. (2012) Proteomic analysis of differentially expressed proteins in the lymphoid organ of *Vibrio harveyi*-infected *Penaeus monodon*. Molecular biology reports 39 (5), 6367-6377. 2.506

17. Somboonwiwat, K., Chaikeeratisak, V., Wang, H.C., Fang Lo, C., Tassanakajon, A. (2010) Proteomic analysis of differentially expressed proteins in *Penaeus monodon* hemocytes after *Vibrio harveyi* infection. Proteome science 8, 39. 2.488

Scientific activities

1. Secretariat assistant of the 30th Federation of Asian and Oceanian Biochemists and Molecular Biologists Conference (FAOBMB conference), 2023
2. A master of ceremony (MC) of the 7th International Conference on Biochemistry and Molecular Biology (BMB 2021), Virtual conference, July 7, 2021
3. A master of ceremony (MC) of the 6th International Conference on Biochemistry and Molecular Biology (BMB 2018), Rayong, Thailand, June 20-22, 2018

Selected talk and presentations:

1. (Invited talk) Mechanism of pre-killing (MOK): Antibacterial discovery through bacteriophage genomics. The 17th International Symposium of the Protein Society of Thailand, Chiang Mai, Thailand, November 9-11, 2022
2. (Invited talk) The phage nucleus and spindles: The defining structure of nucleus-forming giant phages and its implication to eukaryotic nucleus origin. The 15th International Symposium of the Protein Society of Thailand, Bangkok, Thailand, November 4-6, 2020

3. (Invited talk) The phage nucleus: its role for phage reproduction and its implication to eukaryotic cell nucleus. The 44th Congress on Science and Technology of Thailand, Bangkok, Thailand, October 29-31, 2018
4. (Invited talk) The phage nucleus: its role for phage reproduction and its implication to eukaryotic cell nucleus. The 6th International Conference on Biochemistry and Molecular Biology (BMB), Rayong, Thailand, June 20-22, 2018
5. (Poster presentation) Capsid Trafficking of *Pseudomonas* Phage 201Phi2-1 to the Phage Nucleus and the Role of the PhuZ Filament in Capsid Transportation ASCB Meeting 2016, San Francisco, California, United States, December 3-7, 2016
6. (Invited talk) Exploring the replication factory of the giant bacteriophages. 21st Biennial Evergreen International Phage Meeting, Olympia, Washington, United States, August 2-7, 2015
7. (Poster presentation) The infection nucleoid-positioning mechanism of PhuZ during the bacteriophage infection in its host is conserved among bacteriophages in the PhiKZ family. Plant & Microbial Cytoskeleton, Gordon Research Conference, Andover, New Hampshire, United states, August 10-15, 2014

Invited lecture:

1. Bacteriophage (05216318): Phage Reproduction in the Infected Cell During Lytic Cycle and Phage Hijacking Mechanism to Benefit Its Fitness. King Mongkut's Institute of Technology Ladkrabang (KMITL)
2. Bacteriophage (05216318): Phage Egress and Host Cell Lysis and Giant Bacteriophages and Their Reproduction Mechanism. King Mongkut's Institute of Technology Ladkrabang (KMITL)

Mechanism of pre-killing (MOK): Antibacterial discovery through bacteriophage genomics

Vorrapon Chaikeeratisak

Department of Biochemistry, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok, 10330, Thailand.

Email: vorrapon.c@chula.ac.th

ABSTRACT

Multidrug-resistant bacteria have been one of the major threats to humankind and have been estimated to cause 10 million deaths in year 2050 if none of efficient tools is soon available. Prokaryotic viruses, also known as bacteriophage or phage, which infect, replicate inside and kill bacterial hosts, have been considered as an alternative that potentially replaces antibiotics and would be used to combat against multidrug-resistant pathogens. Throughout infection, phages encode various unique proteins that arrest critical fundamental processes of bacteria and redirect them to benefit phage reproduction. Thus, understanding mechanistic insights on how phages hijack the bacterial host cells might expedite antimicrobial discovery through the bacteriophage genomes. Here we employed a single-cell infection assay using fluorescence microscopy to explore a mechanism of pre-killing (MOK) of phages during infection to screen for potential antimicrobials. Upon infection, the phages display MOK through a variety of phage-encoded proteins to interfere with the bacterial cellular processes. These cellular arrests later trigger the apparent morphological change of the cells which can be predicted on which of the host processes is hijacked by comparing to Bacterial Cytological Profiling (BCP) that demonstrates the mode of actions of antibiotics based on bacterial morphological changes. Therefore, with this MOK-guided screening through a library of phages targeting the pathogens of interest, it would potentially facilitate the discovery of novel biologics derived from phages that serve similar active properties to antibiotics in the future.

Keyword; Mechanism of pre-killing (MOK), Bacterial Cytological Profiling (BCP), Antibacterial discovery, bacteriophage

ดร.สิทธิรักษ์ รอยตระกูล
นักวิจัยอาวุโส ทีมวิจัยเทคโนโลยีโปรตีโอมิกส์เชิงหน้าที่
กลุ่มวิจัยส่วนผสมฟังก์ชันและนวัตกรรมอาหาร
ศูนย์พันธุวิศวกรรมและเทคโนโลยีชีวภาพแห่งชาติ
113 อุทยานวิทยาศาสตร์ประเทศไทย ถ.พหลโยธิน
ต.คลองหนึ่ง อ.คลองหลวง จ.ปทุมธานี 12120
E-mail: sittiruk@biotec.or.th

ประวัติการศึกษา

2535 ปริญญาตรี (วท.บ) เทคนิคการแพทย์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ ประเทศไทย

2539 ปริญญาโท (วท.ม) ชีวเคมี มหาวิทยาลัยมหิดล ประเทศไทย

2547 ปริญญาเอก (Ph.D) Phytochemistry, Leiden university, The Netherlands

สาขาวิชาการที่มีความชำนาญพิเศษ

Proteomics, Peptidomics, Bioactive peptide, Plant Biochemistry, Molecular Biology, Medical Science

ประสบการณ์ที่เกี่ยวข้องกับการบริหารงานวิจัยทั้งภายในและภายนอกประเทศ

<u>หัวหน้าโครงการวิจัย</u>

- การศึกษาโปรตีนที่เกี่ยวข้องกับการพัฒนาของรังไข่ในแม่พันธุ์กุ้งกุลาดำด้วยเทคนิคโปรตีโอมิกส์ สวทช. (พ.ศ. 2551-2553)
- การใช้เทคนิคโปรตีโอมิกส์ศึกษาวิถีการผลิตโปรตีนหลักในเมล็ดข้าวและการเตรียมเปปไทด์ออกฤทธิ์ทางชีวภาพจากเมล็ดและรำข้าว สวก. (พ.ศ. 2554-2557)
- การระบุยีนที่มีความสัมพันธ์กับปริมาณน้ำตาลในอ้อยโดยใช้เทคนิคโปรตีโอมิกส์ สวทช. (พ.ศ. 2557-2560)
- การใช้เทคนิคโปรติโอมิกส์ศึกษาปริมาณโปรตีนหลักในเมล็ดข้าวไทย สวก. (พ. ศ. 2559-2560)
- การค้นหาเปปไทด์ออกฤทธิ์ต้านแบคทีเรียก่อโรคในระบบทางเดินหายใจของสัตว์ สวทช. (พ.ศ. 2560-2561)
- การค้นหาเปปไทด์ออกฤทธิ์ต้านแบคทีเรียก่อโรคในระบบทางอาหารของสัตว์ สวทช. (พ.ศ. 2560-2561)
- การทดสอบฤทธิ์ต้านแบคทีเรียของโปรตีนไฮโดรไลเสตจากใบข้าว สวทช. (พ.ศ. 2564)
- การค้นหาเปปไทด์ออกฤทธิ์ต้านแบคทีเรียและต้านเซลล์มะเร็งจากเมล็ดข้าวไทย สวทช. (พ.ศ. 2562-2565)

ผลงานตีพิมพ์ในวารสารวิชาการระดับชาติ (ล่าสุด)

- Sangkaew O, Prombutara P, **Roytrakul S**, Yompakdee C. 2023. Metatranscriptomics reveals sequential expression of genes involved in the production of melanogenesis inhibitors by the defined microbial species in fermented unpolished black rice. Microbiol Spectr. 2: e0313922.
- Wongngam W, Hamzeh A, Tian F, **Roytrakul S**, Yongsawatdigul J. 2023. Purification and molecular docking of angiotensin converting enzyme-inhibitory peptides derived from corn gluten meal hydrolysate and from in silico gastrointestinal digestion. Process Biochem 129: 113-120.
- Pankaew C, Supdensong K, Tothong C, **Roytrakul S**, Phaonakrop N, Kongbangkerd A, Limmongkon A. 2023. Combining elicitor treatment of chitosan, methyl jasmonate, and cyclodextrin to induce the generation of immune response bioactive peptides in peanut hairy root culture. Plant Sci. 11:111670.
- Naksawat M, Norkaew C, Charoensedtasin K, **Roytrakul S**, Tanyong D. 2023. Anti-leukemic effect of menthol, a peppermint compound, on induction of apoptosis and autophagy. PeerJ 10;11:e15049.
- Tran NTD, Chaidee A, Surapinit A, Yingklang M, **Roytrakul S**, Charoenlappanit S, Pinlaor P, Hongsrichan N, Anutrakulchai S, Cha'on U, Pinlaor S. 2023. Chronic *Strongyloides stercoralis* infection increases presence of the *Ruminococcus torques* group in the gut and alters the microbial proteome. Sci Rep. 13(1):4216.
- Siriwan W, Vannatim N, Chaowongdee S, **Roytrakul S**, Charoenlappanit S, Pongpamorn P, Paemanee A, Malichan S. 2023. Integrated proteomic and metabolomic analysis of Cassava cv. Kasetsart 50 infected with *Sri Lankan Cassava Mosaic Virus*. *Agronomy*.13(3):945.
- Chanajon P, Tian F, Noisa P, **Roytrakul S**, Yongsawatdigul J. 2023. Corn gluten meal peptides inhibit prolyl oligopeptidase and modulate **α**-synuclein aggregation in KCl-treated SH-SY5Y cells. J Funct Foods 104: 105501.
- Wongkanoun S, Chainuwong B, Kobmoo N, **Roytrakul S**, Somrithipol S, Luangsa-ard J, Charria-Girón E, Srikitikulchai P, Stadler M. 2023. Studies on the genus *Pyrenopolyporus* (Hypoxylaceae) in Thailand using a polyphasic taxonomic approach. *J Fungi* 9(4):429.

- Fungfuang W, Srisuksai K, Santativongchai P, Charoenlappanit S, Phaonakrop N, **Roytrakul S,** Tulayakul P, Parunyakul K. 2023. Targeted proteomic analysis reveals that crocodile oil from *Crocodylus siamensis* may enhance hepatic energy metabolism in rats. Exp Anim. (In Press)
- Moyadee W, Chiteafea N, Tuanthap S, Choowongkomon K, **Roytrakul S**, Rungsuriyawiboon O, Boonkaewwan C, Tansakul N, Rattanasrisomporn A, and Rattanasrisomporn J. 2023. The first study on clinicopathological changes in cats with feline infectious peritonitis with and without retrovirus coinfection. Veterinary World, 16(4): 820–827.

สิทธิบัตร

ชื่อผลงาน	**วัน-เดือน- ปี**	**เลขที่อนุสิทธิบัตร/เลขที่คำขอ**
กระบวนการผลิตฮอร์โมนเกี่ยวกับการเจริญเติบโตของมนุษย์ (Human growth hormone) ในยีสต์ *Pichia pastoris*	13 มิถุนายน 2536	35877/ 101002658
กรรมวิธีการผลิตโปรตีนพิษจากเนื้อเมล็ดสบู่ดำ	25 กรกฎาคม 2557	9017/ 1103001132
น้ำยากำจัดแมลงศัตรูพืชและยุงที่มีส่วนผสมของสารสกัดโปรตีนจากเปลือกหุ้มเมล็ดสบู่ดำ	10 เมษายน 2558	9782/ 1103001131
เปปไทด์ยับยั้งการเจริญของเชื้อที่ก่อโรคทางผิวหนังและระบบทางเดินหายใจ	17 กรกฎาคม 2558	10093/ 1103001129
เปปไทด์สังเคราะห์แบบวง (Cyclic peptide) ที่มีฤทธิ์ยับยั้งการเจริญของเชื้อโรคในมนุษย์ได้ในวงกว้าง (Broad spectrum)	14 กันยายน 2559	156074/1401005578
Antimicrobial peptides for inhibition of pathogenic microorganisms in digestive and respiratory tracts in animals	13 มีนาคม 2563	PCT/TH2020/0000015
กรรมวิธีการผลิตโปรตีนไฮโดรไลเสตจากชานอ้อยที่มีฤทธิ์ยับยั้งการเจริญของเชื้อก่อโรคในพืชและมนุษย์	27 ตุลาคม 2565	20281/2003002162

Mass Spectrometry-Based Peptidomics and Proteomics

Sittiruk Roytrakul

National Center for Genetic Engineering and Biotechnology

National Science and Technology Development Agency

The peptidome and proteome are the complete sets of peptides and proteins that are naturally found in all parts of the body, including body fluids, cells, tissues, and exosomes. They are dynamic and constantly changing in response to a variety of factors, such as stage of development, metabolic state, cell cycle, stress, disease, and various interactions. Peptidomics and proteomics are the comprehensive profiling of endogenous or exogeneous peptidome and proteome from biological sources, respectively.

Mass spectrometry (MS) is a versatile and powerful technique that is essential for peptidomics and proteomics research. It can identify, quantify, and characterize peptidome and proteome in a variety of applications. MALDI-TOF MS, or matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry, is used to identify microorganisms, such as bacteria and fungi. It analyzes the peptide barcode of biological fluids, cells, and tissues under normal or altered conditions. MALDI-TOF MS is a non-invasive, rapid, sensitive approach for diagnosing oral cancer in dogs, mitral valve disease with and without pulmonary hypertension in cats, and hypertrophic cardiomyopathy in cats. LC-MS/MS (Liquid Chromatography-Tandem Mass Spectrometry) is a popular tool for identifying and quantifying peptidome and proteome. LC-MS can be used to sequence bioactive peptides, identify peptide or protein biomarkers, study the mechanism of action of drugs and dietary supplements, study the pathogenesis of cancers, and study the functional role of the gut microbiota in health and disease.

Keyword: Mass spectrometer, proteomics, peptidomics, Maldi-TOF MS, LC-MS

อาจารย์ ดร.จิราพร ปานมณี
ศูนย์วิจัยประสาทวิทยาศาสตร์
สถาบันชีววิทยาศาสตร์โมเลกุล มหาวิทยาลัยมหิดล
Email: jiraporn.pam@mahidol.edu

ประวัติการศึกษา

ปีเริ่มต้น – ปีสิ้นสุด	วุฒิการศึกษา	สาขา	สถาบัน	ประเทศ
2559-2563	PhD	Biological Sciences	University of Liverpool	UK
2555-2558	วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต	ประสาทวิทยาศาสตร์	มหาวิทยาลัยมหิดล	ประเทศไทย
2551-2555	วิทยาศาสตรบัณฑิตเกียรตินิยมอันดับ 1	ชีววิทยา	มหาวิทยาลัยศิลปากร	ประเทศไทย

ทุนการศึกษา / รางวัล

- โครงการพัฒนาและส่งเสริมผู้มีความสามารถพิเศษทางวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี (พสวท.) ระดับปริญญาตรี-เอก (2551-2562)
- รางวัลมูลนิธิ ดร.แถบ นีละนิธิ นักศึกษาระดับปริญญาตรีดีเด่น ชั้นปีที่ 1 เกรดเฉลี่ยสูงสุด ประจำปี 2552
- รางวัลเกรดเฉลี่ยสูงสุดของคณะวิทยาศาสตร์ (สาขาชีววิทยา) มหาวิทยาลัยศิลปากร ประจำปี 2552

ประสบการณ์การทำงาน

ปีเริ่มต้น – ปีสิ้นสุด	ตำแหน่ง	หน่วยงาน/สถาบัน/บริษัท	ประเทศ
2564-ปัจจุบัน	อาจารย์	ศูนย์วิจัยประสารทวิทยาศาสตร์ สถาบันชีววิทยาศาสตร์โมเลกุล ม.มหิดล	ประเทศไทย
2563	Postdoctoral researcher	Biophysics Group, Department of Biochemistry & Systems Biology, University of Liverpool	UK

งานวิจัยที่สนใจ

1. ความเป็นพิษต่อระบบประสาทของสารกำจัดศัตรูพืช
2. ชีววิทยาเชิงโครงสร้างและการค้นพบยา
3. ชีววิทยาของความชราภาพและโรคที่เกี่ยวกับความเสื่อมของระบบประสาท

ผลงานที่ตีพิมพ์

- Promthep K, Nopparat C, Mukda S, Pannengpetch S, Wisomka P, Chantadul V, Phanchana M, **Panmanee J*** (2022), Proteomic profiling reveals neuronal ion channel dysregulation and cellular responses to DNA damage induced cell cycle arrest and senescence in human neuroblastoma SH-SY5Y cells exposed to cypermethrin. Neurotoxicology. 2022;93: 71-83.

- Wiesmann D, **Panmanee J**, Mukda S, Chetsawang B*. (2022), An In-silico Study of Structure-based Virtual Screening of IDO1 Inhibitors as Candidate Compounds for Drug Development of IDO1-related Diseases. JBAP. 2022;2(2):52-61.

- Nopparat C, Boontor A, **Panmanee J**, Govitrapong P*. (2022), Melatonin Attenuates Methamphetamine-Induced Alteration of Amyloid β Precursor Protein Cleaving Enzyme Expressions via Melatonin Receptor in Human Neuroblastoma Cells. Neurotox Res. 40(4):1086-1095.

- **Panmanee J**, Antonyuk SV*, Hasnain SS*. Structural basis of the dominant inheritance of hypermethioninemia associated with the Arg264His mutation in the MAT1A gene. Acta Crystallogr D Struct Biol. 2020 Jun 1;76 (Pt 6):594-607.

- **Panmanee J**, Bradley-Clarke J, Mato JM, O'Neill PM, Antonyuk SV*, Hasnain SS*. Control and regulation of S-Adenosylmethionine biosynthesis by the regulatory β subunit and quinolone-based compounds. FEBS J. 2019 Jun;286(11):2135-2154.

- Mukda S, **Panmanee J**, Boontem P, Govitrapong P*. Melatonin administration reverses the alteration of amyloid precursor protein-cleaving secretases expression in aged mouse hippocampus. Neurosci Lett. 2016 May 16;621:39-46.

- **Panmanee J**, Nopparat C, Chavanich N, Shukla M, Mukda S, Song W, Vincent B, Govitrapong P*. Melatonin regulates the transcription of βAPP-cleaving secretases mediated through melatonin receptors in human neuroblastoma SH-SY5Y cells. J Pineal Res. 2015 Oct;59(3):308-20.

In silico docking and molecular dynamics for small-molecule drug discovery

Jiraporn Panmanee, Ph.D.

Research Center for Neuroscience

Institute of Molecular Biosciences, Mahidol University

The omics era has brought about a rapid increase of biological data, including genomics, transcriptomics, proteomics, and metabolomics. These large-scale datasets provide a plethora of information on biological systems and have revolutionized the field of drug discovery. In particular, *in silico* docking and molecular dynamics simulations have become important computational tools for analyzing and predicting protein-ligand interactions. *In silico* docking predicts the binding modes of small molecules to target proteins, while molecular dynamics simulations also provide insights into the dynamics of protein-ligand interactions. The use of computational methods is becoming increasingly common in pharmaceutical research and drug design. These methods are widely used in the early stages of drug discovery to identify and optimize potential drug candidates. They allow researchers to screen large databases of compounds for their potential to bind to target proteins, and to predict the binding affinity of the compounds. With the advent of omics data, these methods can be used to analyze and predict the effects of genetic variation, transcriptomic changes, post-translational modifications, and metabolite interactions on drug efficacy and toxicity. Thus, *in silico* docking and molecular dynamics simulations, when combined with omics data, are powerful computational tools that can accelerate drug discovery and improve drug efficacy and safety.

Keywords: Drug discovery; drug design; small molecule; *In silico* docking; molecular dynamics

ผลงานวิจัยที่โดดเด่น

สถาบันชีววิทยาศาสตร์โมเลกุล

ห้องปฏิบัติการวิจัยทางปรสิตวิทยา (Parasitology Research Laboratory)

“ชุดทดสอบอิมมูโนวินิจฉัยสำเร็จรูปที่มีประสิทธิภาพและความแม่นยำสูง สำหรับการตรวจหาเชื้อพยาธิใบไม้ตับ พยาธิใบไม้กระเพาะอาหาร โปรโตซัว และริกเกตเซีย ในเลือดของสัตว์เลี้ยงเป็นเพื่อนและสัตว์เคี้ยวเอื้อง”

หัวหน้าโครงการวิจัย/ผู้รับผิดชอบ

หัวหน้าโครงการ รศ.ดร.น.สพ.ปณัฐ อนุรักษ์ปรีดา

ผู้รับผิดชอบ

นางอมาญาส์ วิจิตร์วงษ์

นางสาวศิริพรรณ สังข์ช่วย

นางสาวสุทธิดา มินสาคร

นางสาวสุดารัตน์ ทองพะยงค์

นางสาวนภัสสร พูนสวัสดิ์

นางสาวทัศนีย์ เจริญศักดิ์

นายนิติพล ศรีอ่อนรอด

นางสาวพัณณิตา รัตน์เจริญ

ความเป็นมาของการทำวิจัย

พยาธิใบไม้ตับ (*Fasciola gigantica*) และพยาธิใบไม้กระเพาะอาหาร (paramphistomes) เป็นสาเหตุของโรคพยาธิใบไม้ตับ (Fasciolosis) และโรคพยาธิใบไม้กระเพาะอาหาร (Paramphistomosis) ของโค กระบือ แพะ แกะ และมนุษย์ ทำให้สัตว์ที่ติดเชื้อพยาธิเติบโตช้า ผลผลิตทางปศุสัตว์ เช่น เนื้อ นม และขน มีคุณภาพลดลง รวมถึงสาเหตุการตายในสัตว์ที่มีการติดเชื้ออย่างรุนแรง สร้างการสูญเสียทางเศรษฐกิจเป็นอย่างมาก

การวินิจฉัยโรคในปัจจุบันใช้วิธีการตรวจนับไข่พยาธิในอุจจาระของสัตว์ที่ติดเชื้อโดยการส่องกล้องจุลทรรศน์ซึ่งไม่สามารถวินิจฉัยโรคในระยะแรกของการติดเชื้อได้ซึ่งใช้เวลาในการตรวจนาน ผลที่ได้ไม่มีความแม่นยำและผู้ตรวจต้องมีความชำนาญ

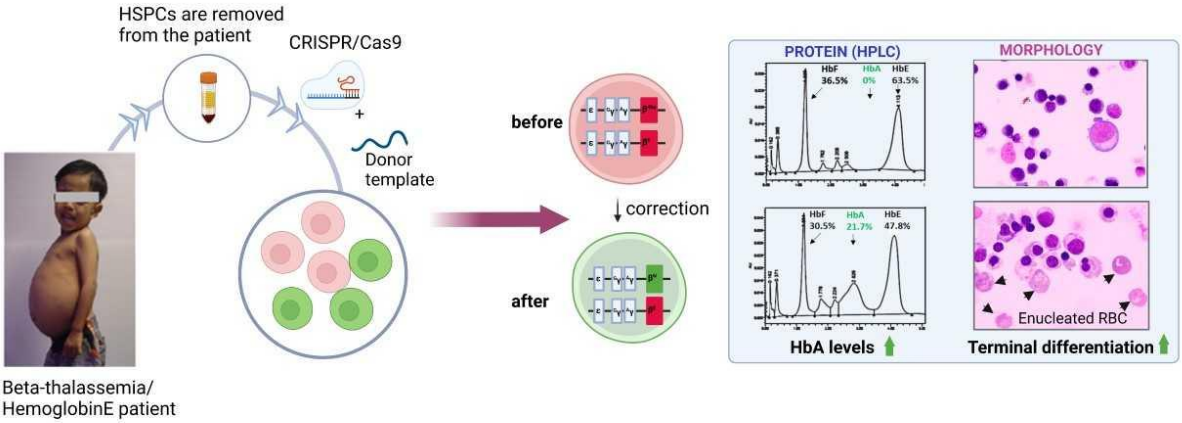
โปรโตซัวและริกเกตเซีย เช่น *Babesia* sp., *Anaplasma* sp. และ *Trypanosoma* sp. สามารถก่อโรคในระบบหมุนเวียนโลหิตของสัตว์เลี้ยงเป็นเพื่อนและสัตว์เคี้ยวเอื้อง นอกจากนี้โปรโตซัว เช่น *Theileria* sp. ก็สามารถก่อโรคในสัตว์เคี้ยวเอื้อง และ *Hepatozoon* sp. ก็สามารถก่อโรคในสุนัขได้เช่นกัน สำหรับริกเกตเซีย เช่น *Ehrlichia* sp. สามารถก่อโรคในระบบหมุนเวียนโลหิตของสุนัข ซึ่งพบการระบาดในเขตร้อนทั่วโลกรวมถึงประเทศไทย การตรวจวินิจฉัยโรคพยาธิในเลือดในปัจจุบันใช้วิธีการตรวจหาเชื้อโดยการส่องกล้องจุลทรรศน์หรือการตรวจด้วยวิธี Polymerase Chain Reaction (PCR) ซึ่งต้องใช้ระยะเวลาในการตรวจนาน ต้องอาศัยผู้เชี่ยวชาญในการตรวจและมีค่าใช้จ่ายสูง

ความโดดเด่นของผลงานและการต่อยอดผลงานสู่นวัตกรรม

- ตรวจวินิจฉัยโรคได้อย่างสะดวกรวดเร็วภายในเวลา 4 ชั่วโมง
- มีความแม่นยำและน่าเชื่อถือค่อนข้างสูง
- สามารถนำไปใช้ได้ทั้งในห้องปฏิบัติการและภาคสนาม
- ใช้งานง่ายไม่ยุ่งยาก และราคาไม่แพง
- ตรวจตัวอย่างได้จำนวนมากในแต่ละครั้ง
- ตรวจหาเชื้อพยาธิได้ตั้งแต่วันแรกของการติดเชื้อ

“การพัฒนาวิธีการแก้ไขการกลายพันธุ์บนยีนเบต้าโกลบินด้วยเทคโนโลยีคริสเปอร์/คาส 9”

ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.อลิสา ทับสุวรรณ



ความเป็นมาของการทำวิจัย

โรคธาลัสซีเมียเป็นโรคเลือดทางพันธุกรรมที่เป็นปัญหาสาธารณสุขหลักของประเทศไทย ปัจจุบันมีผู้ป่วยธาลัสซีเมียร้อยละ 1 ของประชากรหรืออย่างน้อย 7 แสนคน โดยอย่างน้อย 1 แสนคนในจำนวนนี้เป็นผู้ป่วยธาลัสซีเมียชนิดรุนแรง มีเด็กที่เป็นโรคธาลัสซีเมียชนิดรุนแรงเกิดขึ้นใหม่อย่างน้อย 12,000 รายต่อปี ผู้ป่วยธาลัสซีเมียชนิดรุนแรงจะมีภาวะซีดมาก หน้าตาเปลี่ยนแปลง เติบโตช้า ตับม้ามโต จำเป็นต้องได้รับเลือดเป็นประจำ อย่างไรก็ตามการรับเลือดเป็นประจำนี้ นอกจากจะทำให้เกิดภาวะธาตุเหล็กเกินอย่างหลีกเลี่ยงไม่ได้ ผู้ป่วยยังต้องหยุดเรียน ลางาน เดินทางมารับการรักษาบ่อย ๆ ผู้ป่วยที่มีภาวะธาตุเหล็กเกินยังต้องใช้ยาขับธาตุเหล็กเพื่อป้องกันภาวะแทรกซ้อนอันเกิดจากธาตุเหล็กสะสมที่ตับ หัวใจ และต่อมไร้ท่อต่าง ๆ เป็นต้น สถานการณ์ดังกล่าวนี้นอกจากเป็นภาระของตัวผู้ป่วยและครอบครัวแล้ว ยังเพิ่มภาระด้านเศรษฐกิจและสังคมแก่ประเทศโดยรวมอีกด้วย

ในปัจจุบันวิธีเดียวที่จะรักษาผู้ป่วยให้หายขาด คือการปลูกถ่ายไขกระดูก อย่างไรก็ตามวิธีนี้ถูกจำกัดด้วยความเข้ากันของเนื้อเยื่อของผู้ป่วยและผู้บริจาค และภาวะแทรกซ้อนที่เกิดจากการปลูกถ่ายซึ่งอาจทำให้ถึงแก่ชีวิตได้ การแก้ไขพันธุกรรมที่เป็นต้นตอของโรคในเซลล์ต้นกำเนิดเม็ดโลหิตของผู้ป่วยเองโดยใช้เทคโนโลยีนตัดต่อพันธุกรรมจะช่วยลดปัญหาที่เกิดจากการปลูกถ่ายไขกระดูกและสามารถใช้เป็นทางเลือกหนึ่งที่สามารถรักษาผู้ป่วยให้หายขาดได้ในอนาคต

ความโดดเด่นของผลงานและการต่อยอดผลงานสู่นวัตกรรม

คณะผู้วิจัยได้พัฒนาเทคโนโลยีตัดต่อพันธุกรรม ที่เรียกว่า “คริสเปอร์/คาส 9” เพื่อแก้ไขการกลายพันธุ์บนยีนเบต้าโกลบินตรงตำแหน่งโคดอน 41/42 (-TCTT) ซึ่งเป็นการกลายพันธ์ที่พบได้บ่อยในประเทศไทย วิธีการทำงานของเทคโนโลยีคริสเปอร์/คาส 9 คือการใช้เอนไซม์ตัดต่อดีเอ็นเอ เพื่อตัดยีนเบต้าโกลบินที่ผิดปกติ และแทนที่ยีนที่ผิดปกติด้วยยีนที่ถูกต้อง โดยการขนส่งโปรตีนคาส 9 และดีเอ็นต้นแบบเข้าไปในเซลล์ต้นกำเนิดเม็ดโลหิตจากผู้ป่วยเบต้าธาลัสซีเมีย/ฮีโมโกลบินอี เพื่อเปลี่ยนแปลงเซลล์เม็ดเลือดแดงของผู้ป่วยให้กลับมาสร้างฮีโมโกลบินปกติได้ ผลการทดลองพบว่า เมื่อเปลี่ยนแปลงเซลล์ต้นกำเนิดเม็ดโลหิตที่ได้รับการแก้ไขการกลายพันธุ์ให้กลายเป็นเม็ดเลือดแดงในหลอดทดลองพบว่าเซลล์เม็ดเลือดแดงตัวอ่อนที่ไม่สามารถสร้างฮีโมโกลบินปกติสามารถกลับมาสร้างฮีโมโกลบินชนิดปกติได้ และยังสามารถเปลี่ยนแปลงไปเป็นเม็ดเลือดแดงตัวแก่ได้มากกว่าเซลล์ก่อนการกลายพันธุ์ได้อย่างมีนัยสำคัญ ความสำเร็จที่เกิดขึ้นในงานวิจัยนี้จะปูทางไปสู่การทดสอบทางคลินิกเพื่อทดสอบประสิทธิภาพและความปลอดภัยในการแก้ไขการกลายพันธุ์ในผู้ป่วย หากประสบความสำเร็จจะเป็นทางเลือกหนึ่งที่จะรักษาผู้ป่วยชนิดรุนแรงได้เกือบครึ่งหนึ่งของผู้ป่วยเบต้าธาลัสซีเมีย/ฮีโมโกลบินอีทั้งหมด สามารถช่วยเพิ่มคุณภาพชีวิตของลดภาระของครอบครัวและสังคม นอกจากกนี้ยังสามารถนำเทคโนโลยีดังกล่าวไปต่อยอดไปใช้รักษาโรคทางผิดปกติทางพันธุกรรมอื่น ๆ ได้ในอนาคต

“การควบคุมป้องกันและการดูแลรักษาโรคธาลัสซีเมีย: จากห้องปฏิบัติการสู่การปฏิบัติจริง”

ศาสตราจารย์เกียรติคุณ นพ.สุทัศน์ ฟู่เจริญ
รองศาสตราจารย์ ดร. มล.เสาวรส สวัสดิวัฒน์

ความเป็นมาของการทำวิจัย

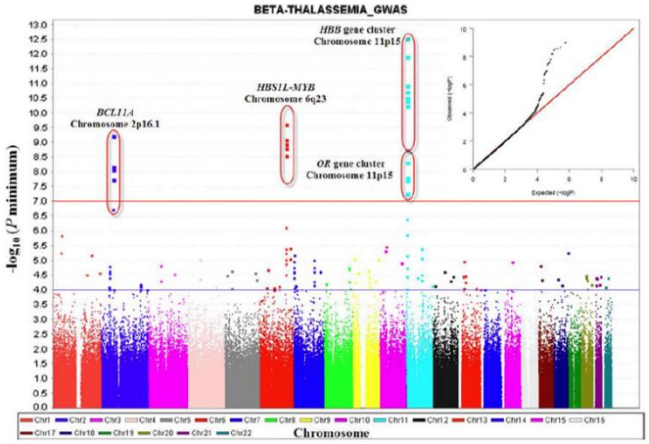
โรคธาลัสซีเมียเป็นโรคโลหิตจางเรื้อรังที่ถ่ายทอดทางพันธุกรรมซึ่งเกิดจากความผิดปกติของยีนที่เกี่ยวข้องในการสังเคราะห์ฮีโมโกลบินในเม็ดเลือดแดง ทำให้เม็ดเลือดแดงแตกง่าย ผู้ป่วยโรคธาลัสซีเมียจะมีอาการแตกต่างกันตั้งแต่โลหิตจางเล็กน้อยจนถึงอาการรุนแรงมากจนเสียชีวิตตั้งแต่อยู่ในครรภ์มารดาหรือหลังคลอดไม่นาน ในประเทศไทยพบพาหะธาลัสซีเมียซึ่งไม่แสดงอาการผิดปกติประมาณร้อยละ 30-40 ของประชากรและมีผู้ป่วยโดยรวมประมาณ 6 แสนคน ในแต่ละปีมีมารดาที่เสี่ยงต่อการมีบุตรเป็นโรคประมาณ 5 หมื่นครรภ์และมีเด็กเกิดใหม่ป่วยเป็นโรคธาลัสซีเมียมากกว่า 1 หมื่นคนต่อปี ซึ่งเป็นปัญหาสาธารณสุขสำคัญของประเทศไทย โดยรัฐบาลสูญเสียงบประมาณในการรักษาพยาบาลผู้ป่วยปีละไม่น้อยกว่า 5,000-6,000 ล้านบาท

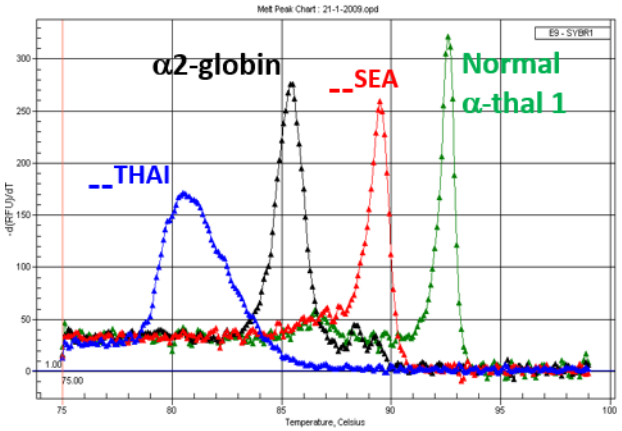
ดังนั้นตลอดระยะเวลามากกว่า 30 ปี ศูนย์วิจัยธาลัสซีเมียมุ่งมั่นทำการศึกษาวิจัยเพื่อสร้างองค์ความรู้ใหม่ที่สามารถนำมาประยุกต์ใช้ในการพัฒนาการตรวจวินิจฉัย การควบคุมป้องกันโรค และการรักษาผู้ป่วยธาลัสซีเมียให้มีคุณภาพชีวิตที่ดีขึ้น

การศึกษาหาปัจจัยทางพันธุกรรมที่มีผลต่อความรุนแรงของโรคธาลัสซีเมีย

- ปี 2544 ศูนย์วิจัยธาลัสซีเมียได้ใช้เทคโนโลยี Genome Wide Association Study (GWAS) เพื่อศึกษาปัจจัยทางพันธุกรรมที่ทำให้ผู้ป่วยโรคเบต้าธาลัสซีเมียฮีโมโกลบินอีมีลักษณะอาการทางคลินิกและความรุนแรงของโรคที่แตกต่างกัน พบว่ามี single nucleotide polymorphisms (SNPs) ที่มีความสัมพันธ์กับความรุนแรงของโรค โดย SNPs ที่พบกระจายตัวอยู่ใน 3 บริเวณได้แก่ β-globin gene cluster, intergenic region ระหว่างยีน *HBS1L* และ *MYB* และใน intron 2 ของ *BCL11A* ซึ่งผลการศึกษาดังกล่าวสามารถนำไปประยุกต์ใช้ในการพยากรณ์ความรุนแรงของโรคเพื่อให้คำปรึกษาแก่พ่อแม่ที่ต้องทำการตรวจวินิจฉัยทารกก่อนคลอด และนำไปสู่การค้นพบวิธีการรักษาผู้ป่วยแบบใหม่

- ปี 2551 ศูนย์วิจัยธาลัสซีเมียได้รายงานระบบการคิดคะแนน (scoring system) สำหรับจำแนกชนิดความรุนแรงของโรค β-thalassemia/HbE disease severity classification ซึ่งมีส่วนสำคัญสำหรับแพทย์ในการวางแผนการรักษาผู้ป่วยรวมถึงการให้คำปรึกษาทางพันธุศาสตร์ ปัจจุบันมีแพทย์และนักวิจัยจากหลากหลายประเทศนำ scoring system นี้ไปปรับใช้





การพัฒนาวิธีการตรวจวินิจฉัยโรคธาลัสซีเมีย

ศูนย์วิจัยธาลัสซีเมียได้ทำการศึกษาและพัฒนาวิธีการตรวจวินิจฉัยโรคธาลัสซีเมียตลอดระยะเวลามากกว่า 30 ปี เช่น การตรวจคัดกรอง การจำแนกชนิดและปริมาณฮีโมโกลบิน การวินิจฉัยระดับดีเอ็นเอด้วยเทคนิคทางอณูชีววิทยา การวิจัยระบบการควบคุมและป้องกันโรคธาลัสซีเมีย และได้ถ่ายทอดความรู้ไปยังหน่วยงานต่าง ๆ ทั้งในมหาวิทยาลัยและโรงพยาบาลของกระทรวงสาธารณสุข ตลอดจนกรมอนามัย และมีส่วนร่วมในการจัดทำ “แผนงานธาลัสซีเมียแห่งชาติ” ของกระทรวงสาธารณสุข ที่คณะรัฐมนตรีได้มีมติให้การรับรองเมื่อวันที่ 12 มิถุนายน 2550 ทำให้สามารถลดอุบัติการณ์ของการเกิดใหม่ของธาลัสซีเมียได้ร้อยละ 50 และคาดว่าในอนาคตจะควบคุมป้องกันการเกิดใหม่ของผู้เป็นโรคธาลัสเมียทั้งประเทศได้มากกว่าร้อยละ 80 นอกจากนั้นศูนย์วิจัยธาลัสซีเมียได้มีส่วนร่วมในการจัดทำคู่มือแนวทางการวินิจฉัยและการรักษาโรคโลหิตจางธาลัสซีเมียและคู่มือทางห้องปฏิบัติการการตรวจวินิจฉัยธาลัสซีเมียและฮีโมโกลบินผิดปกติ

ปี 2564 ศูนย์วิจัยธาลัสซีเมียได้พัฒนาชุดทดสอบเพื่อวินิจฉัยชนิดของโรคเบต้าธาลัสซีเมียทำให้สามารถนำไปใช้ได้ง่ายในห้องปฏิบัติการที่มีความจำกัดทั้งด้านบุคลากรและเครื่องมือ ซึ่งจะช่วยให้การดำเนินการควบคุมป้องกันโรคธาลัสซีเมียมีประสิทธิภาพเพิ่มมากขึ้น

“ปัจจัยที่มีผลต่อการตอบสนองของระบบภูมิคุ้มกันของ microglia และ astrocytes ในสภาวะจำลองสมองขาดเลือด”

รองศาสตราจารย์ ดร.สุจิรา มุกดา

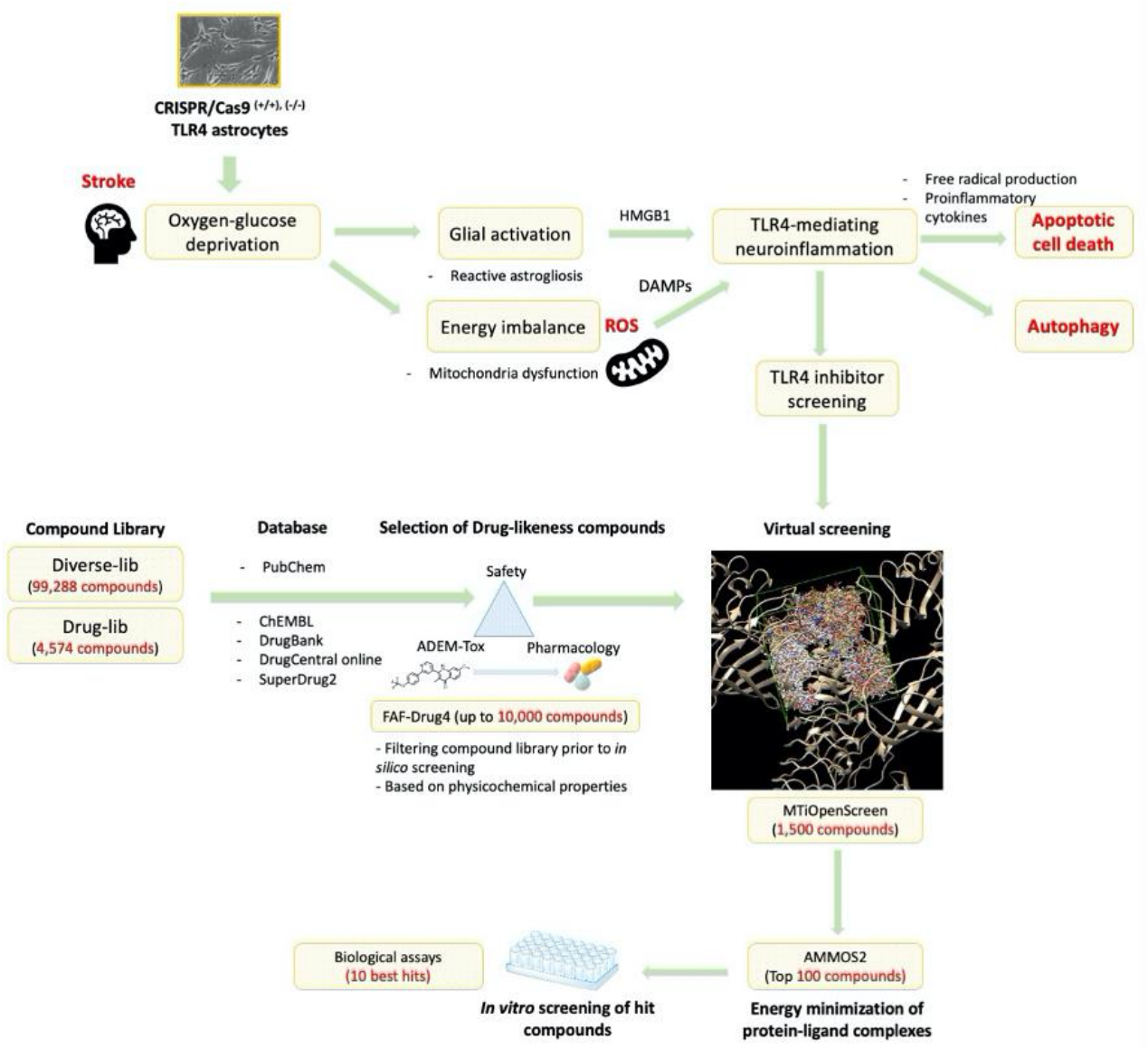
ความเป็นมาของการทำวิจัย

โรคหลอดเลือดสมอง คือภาวะที่สมองขาดเลือดไปหล่อเลี้ยงทำให้สมองหยุดทำงานอย่างฉับพลัน ซึ่งสาเหตุที่พบมากถึง 87% คือเกิดจากการอุดตันของหลอดเลือดที่ไปเลี้ยงสมอง (Ischemia stroke) ทำให้เกิดการขาดอาหารและออกซิเจน ส่งผลให้เซลล์สมองบริเวณที่หลอดเลือดนั้น ๆ ไปหล่อเลี้ยงไม่ได้ เกิดความเสียหายหรือตาย การทำงานของสมองหยุดชะงัก อาการที่แสดงออกของผู้ป่วยขึ้นอยู่กับตำแหน่งของสมองที่ขาดเลือดไปหล่อเลี้ยง หากได้รับการรักษาไม่ทันท่วงทีผู้ป่วยส่วนใหญ่จะมีความพิการตามมา ถ้ามีความรุนแรงผู้ป่วยอาจถึงขั้นเสียชีวิตได้

ในสภาวะการขาดเลือดอย่างเฉียบพลันและรุนแรงของสมอง เซลล์ประสาท (Neuron) และเซลล์เกลีย (Glia) ถูกทำลายหรือตาย และมีลักษณะที่เรียกว่า Damage-associated molecular patterns; DAMPs ซึ่งเซลล์ตายจะกระตุ้นเซลล์ของระบบภูมิคุ้มกัน แอสโตรไซท์ (astrocytes) ให้เปลี่ยนไปเป็น activated astrocytes ซึ่งจะเพิ่มจำนวนอย่างรวดเร็ว และหลั่ง pro-inflammatory cytokines, chemokines, และ metalloproteinases (MMP) ซึ่งไปทำลายตัวกรองกั้นระหว่างเลือดและสมอง (Blood-brain barrier) ทำให้มีเม็ดเลือดขาวจากเลือดผ่านไปยังเนื้อเยื่อประสาท ทำให้เกิดความเสียหายของระบบประสาทเพิ่มมากขึ้น (secondary damage) นอกจากแอสโตรไซท์ เซลล์ไมโครเกลีย (Microglia) ก็มีการเปลี่ยนเป็น activated microglia และทำหน้าที่จับกินสิ่งแปลกปลอม (Phagocytic capacity) และหลั่ง pro-inflammatory mediators เช่น interleukin-1 (IL-1), tumor necrosis factor α (TNF-α), และ metalloproteinases-9 (MMP-9), ซึ่งมีผลทำให้ blood-brain barrier เกิดความเสียหาย นอกจากเซลล์ของระบบภูมิคุ้มกันถูกกระตุ้น การเพิ่มขึ้นของสารอนุมูลอิสระ (reactive oxygen species; ROS) ก็ทำลาย blood-brain barrier ด้วยเช่นกัน ***ดังนั้นการลดการอักเสบของเซลล์ในระบบประสาทในภาวะสมองขาดเลือด โดยเฉพาะอย่างยิ่งในระยะเฉียบพลัน (acute) อาจเป็นเป้าหมายสำคัญในการช่วยลดความรุนแรงและการตายของเซลล์จากภาวะสมองขาดเลือดได้***

ความโดดเด่นของผลงานและการต่อยอดผลงานสู่นวัตกรรม

เป็นงานวิจัยที่คัดกรองและทดสอบสารที่มีคุณสมบัติในการลดหรือยับยั้งการตอบสนองของ reactive astrocytes และ activated microglia ภายใต้สภาวะสมองขาดเลือด ***เพื่อที่จะพัฒนาวิธีการป้องกันหรือรักษาเพื่อลดการตายของเซลล์สมองและฟื้นฟูการทำงานของสมองหลังจากเกิดภาวะสมองขาดเลือดได้อย่างมีประสิทธิภาพ***



"วัคซีนไข้เลือดออก (DENGUE VACCINE)"

ไวรัสเด็งกี่เป็นเชื้อที่ก่อให้เกิดโรคไข้เด็งกี่ที่สำคัญในประเทศไทย โดยมีผู้ป่วยในแต่ละปีราว 50,000 – 100,000 ราย จำนวนผู้ป่วยจะเพิ่มขึ้นหากมีการระบาดในปีนั้น เชื้อไวรัสเด็งกี่มี 4 serotypes (DENV1–4) แพร่เชื้อโดยมียุงลายเป็นพาหะนำโรค เป็นที่ยอมรับกันว่าเมื่อเด็กติดเชื้อ serotype หนึ่งแล้ว จะสามารถป้องกันการติดเชื้อ serotype นั้นได้ตลอดชีวิต แต่ป้องกันการติดเชื้อ serotype อื่นมีจำกัด ในช่วงระยะสั้น ๆ

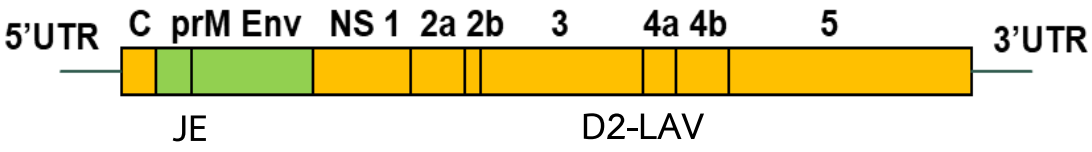
ประชาชนกว่า 500 ล้านคน ต้องการวัคซีนชนิดนี้ หน่วยงานได้เริ่มดำเนินการพัฒนาวัคซีนชนิดนี้ตั้งแต่ พ.ศ. 2523 โดยได้รับการสนับสนุนจากองค์การอนามัยโลกมาเป็นเวลานานกว่า 12 ปี หน่วยงานได้พัฒนาเทคโนโลยีชีวภาพเป็นของตนเอง มีผลงานพัฒนานวัตกรรมวัคซีนอย่างต่อเนื่อง

หน่วยงานมีวัคซีนไข้เด็งกี่ที่ตอบโจทย์ของสังคม

1. เป็นวัคซีนไข้เด็งกี่ชนิดเชื้อเป็นอ่อนฤทธิ์รวม 4 สายพันธุ์ในเข็มเดียว
2. สามารถผลิตได้ปริมาณมากในระดับอุตสาหกรรม
3. มีความปลอดภัยสูง
4. สามารถกระตุ้นให้เกิดภูมิคุ้มกันต้านทานไวรัสไข้เด็งกี่ครอบคลุมความหลากหลายของเชื้อ (genetic diversity) ได้ครบทั้ง 4 สายพันธุ์
5. สามารถฉีดวัคซีนเพื่อสร้างภูมิคุ้มกันโรคให้แก่ประชาชนทุกกลุ่มอายุ
6. สามารถปลูกสร้างภูมิคุ้มกันไวรัสได้ยาวนานกว่า 5 ปี หลังจากได้รับวัคซีนชนิดรวมเพียง 1 เข็ม และไม่ควรเกินกว่า 2 เข็ม

พ.ศ. 2554 มหาวิทยาลัยมหิดล ลงนามในการมอบสิทธิบัตรการผลิตวัคซีนไข้เด็งกี่ให้แก่ Kaketsuken หรือ KM Biologics ในปัจจุบัน (ประเทศญี่ปุ่น)

“วัคซีนไข้สมองอักเสบเจอี (JAPANESE ENCEPHALITIS VACCINE)”



การพัฒนาวัคซีนชนิดอ่อนฤทธิ์ลูกผสม

- โรคไข้สมองอักเสบเจอีเป็นโรคประจำถิ่นในทวีปเอเชีย คาดการณ์ว่ามากกว่า 3 พันล้านคนอาศัยอยู่ในพื้นที่ที่มีการระบาดของเชื้อ JEV และมีผู้ป่วยที่แสดงอาการมากถึง 68,000 ราย
- ประเทศไทยใช้วัคซีนไข้สมองอักเสบเจอีในแผนสร้าง ภูมิคุ้มกันโรคให้แก่เด็ก ราว 1 ล้านโด๊สต่อปี ซึ่งวัคซีนที่ใช้อยู่จำเป็นต้องซื้อจากต่างประเทศ
- หน่วยงานได้พัฒนาวัคซีนชนิดอ่อนฤทธิ์ลูกผสม (JE chimeric vaccine) โดยใช้เทคโนโลยีการตัดต่อสายพันธุกรรมโดยความร่วมมือกับนักวิจัยไทย (ม.มหิดล และ ม.เชียงใหม่)
- ตามแผนงานสร้างเสริมภูมิคุ้มกันโรคกำหนดให้เด็กไทยทุกคนควรได้รับวัคซีนชนิดนี้
- พร้อมในการต่อยอดเพื่อพัฒนาต่อในระดับอุตสาหกรรม
- การพัฒนาวัคซีนไข้สมองอักเสบเจอีในไทย จะช่วยลดและทดแทนการนำเข้าวัคซีน เสริมสร้างความมั่นคงด้านวัคซีน ประชาชนสามารถเข้าถึงวัคซีนที่มีคุณภาพได้อย่างทั่วถึง

“การออกแบบและพัฒนาแพลตฟอร์มการเพิ่มกำลังการผลิตเปปไทด์ทางชีวภาพที่สัมพันธ์กับโรคทางระบบเมแทบอลิซึม โรคเกี่ยวกับระบบประสาท โรคหัวใจและหลอดเลือด และการทดสอบปฏิกิริยาทางชีวภาพ”

ดร.มยุรี รอดรัตน์ และ ดร.นพพล เพ็ชรแย้ม

ความเป็นมาของการทำวิจัย

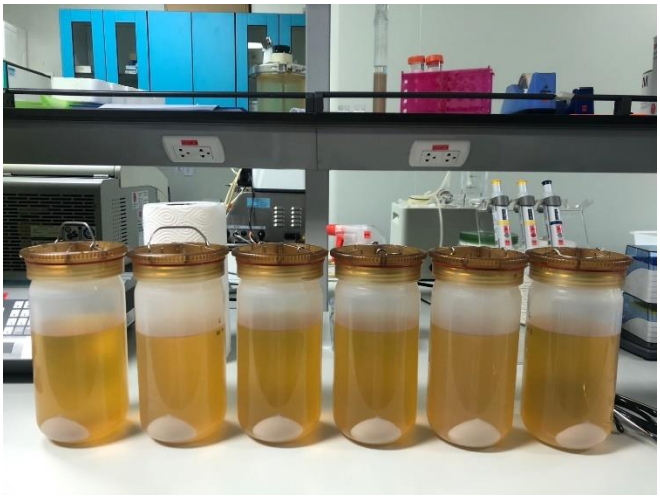
ปัจจุบัน โรคไม่ติดต่อเรื้อรังในกลุ่มโรคที่เกิดจากความผิดปกติของระบบเมแทบอลิซึม (metabolic diseases), กลุ่มโรคหัวใจและหลอดเลือด (cardiovascular diseases), และกลุ่มโรคที่มีความผิดปกติทางระบบประสาท (neurological disorders) เป็นสาเหตุหลักของการเสียชีวิตในประชากรทั่วโลก ก่อให้เกิดความเสียหายทั้งทางด้านเศรษฐกิจ สังคม และคุณภาพชีวิต การผลิตยาในรูปแบบ recombinant protein หรือ biologics ที่มีความคล้ายคลึงกับโปรตีนในร่างกาย เป็นหนึ่งในวิธีการที่จะช่วยรักษาโรคเหล่านี้ได้ อย่างไรก็ตาม ยังจะต้องมีการศึกษาผลของ recombinant protein ต่อโรคเหล่านี้อีกมาก แต่เนื่องจากการศึกษาผลของ recombinant protein มีข้อจำกัดคือปริมาณโปรตีนที่มากเพื่อทำการทดลองในสิ่งมีชีวิต เช่น เซลล์จากสัตว์ และสัตว์ทดลอง เพื่อให้ได้ผลการวิจัยที่มีความน่าเชื่อถือ ในปัจจุบัน recombinant protein ต่างๆ มักนำเข้าจากต่างประเทศ ในราคาที่สูง คณะผู้วิจัยจึงมีวัตถุประสงค์ในการผลิตและพัฒนาผลิตภัณฑ์การแพทย์ขั้นสูง recombinant protein ยาในกลุ่ม biologics และสาร small molecule ที่มีประสิทธิภาพ ปลอดภัย และเป็นที่ยอมรับในระดับสากล อีกทั้งยังขยายกระบวนการผลิตในเชิงต้นแบบกึ่งอุตสาหกรรมและการทดสอบทางชีวภาพสำหรับสารจำนวนมาก โดยโปรตีนที่คณะผู้วิจัยมีความสนใจผลิต ได้แก่ โปรตีนที่มีฤทธิ์เกี่ยวกับระบบเมแทบอลิซึม ระบบหัวใจและหลอดเลือด เช่น โปรตีน fibroblast growth factor 21 (FGF21) และ fibroblast growth factor 23 (FGF23) เป็นต้น รวมทั้งโปรตีนที่มีฤทธิ์ในระบบประสาท เช่น brain-derived neurotrophic factor (BDNF) รวมไปถึงศึกษาประสิทธิภาพของโปรตีนดังกล่าวและสารโมเลกุลขนาดเล็ก (small molecule) ชนิดอื่น ๆ ที่อาจมีส่วนช่วยรักษาหรือบรรเทาอาการของโรคเหล่านี้อีกด้วย

ความโดดเด่นของผลงานและการต่อยอดผลงานสู่นวัตกรรม

- สร้างแพลตฟอร์มเพื่อนำไปใช้สำหรับทดสอบการทำงานของโปรตีนและยาชีววัตถุที่ผลิตได้ ทั้งในระดับห้องปฏิบัติการ และระดับโรงงานต้นแบบ
- ต้นแบบในการผลิตเปปไทด์ทางชีวภาพฯ และกรรมวิธีการทดสอบประสิทธิภาพของเปปไทด์ที่ผลิตได้
- การคิดค้นกรรมวิธีการผลิตเปปไทด์ทางชีวภาพฯ ในระดับ Lab Scale และ Bench Scale

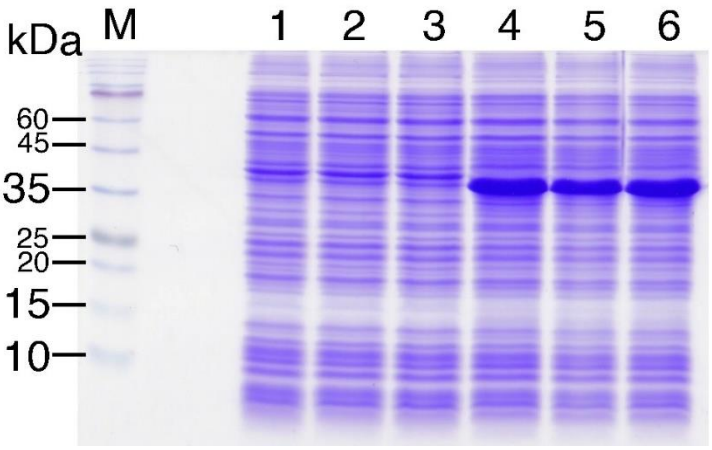
ยื่นจดอนุสิทธิบัตร: กรรมวิธีการผลิตโปรตีนสายผสมไฟโบรบลาสต์โกรทแฟคเตอร์ยี่สิบเอ็ด (เลขที่คำขอ 2003003385)

การขยายกำลังการผลิตเปปไทด์ (up-scaling) ในถังหมัก (bioreactor)



ผลผลิตที่ได้จากการขยายกำลังการผลิตในถังหมัก (bioreactor) โดยตะกอนสีขาวคือปริมาณแบคทีเรียที่เจริญเติบโตและคาดว่าจะมีการแสดงออกของโปรตีนที่สนใจ

แสดงหนึ่งในขั้นตอนของการทดสอบการแสดงออกของโปรตีน หรือเปปไทด์ที่ผลิตได้จากห้องปฏิบัติการ นั่นคือ การทดลองเพื่อแยกโปรตีนด้วยเทคนิคทาง electrophoresis



แสดงผลของการแยกโปรตีนที่ผลิตได้จากเซลล์แบคทีเรีย แสดงให้เห็นถึงโปรตีนขนาดประมาณ 35 กิโลดาลตัน ปริมาณมากในเลนที่ 4 5 และ 6

“แม่กุ้งก้ามกรามแปลงเพศ MU1”

ดร.สุพัตรา ตรีรัตน์ตระกูล

ความเป็นมาของการทำวิจัย

กุ้งก้ามกรามเป็นกุ้งน้ำจืดที่มีขนาดใหญ่ ที่นิยมของผู้บริโภคเนื่องจากมีเนื้อมากและมีมันที่หัวที่อร่อย เป็นที่ต้องการของตลาดทั้งในและต่างประเทศ แต่ปัจจุบันผลผลิตกุ้งก้ามกรามมีความไม่แน่นอน เนื่องจากขาดแคลนลูกกุ้งก้ามกรามที่มีคุณภาพ ปลอดโรค จึงมีอัตรารอดต่ำ โตช้า แตกไซส์ รวมถึงเกษตรกรเสียโอกาสในการจำหน่ายผลผลิต เนื่องจากผลผลิตกุ้งก้ามกรามที่ได้มีสัดส่วนเพศเมียและกุ้งจิ๊กโก๋ มากกว่ากุ้งก้ามกรามเพศผู้ โดยเพศเมียและกุ้งจิ๊กโก๋มีราคาถูกกว่ากุ้งเพศผู้ค่อนข้างมาก การเลี้ยงกุ้งเพศเดี่ยวจะส่งผลให้อัตราแลกเนื้อดีกว่าการเลี้ยงรวมเพศผู้เมีย ดังนั้น การพัฒนากรรมวิธีเพื่อแยกเพศโดยเฉพาะเพศผู้ จะทำให้การบริหารจัดการการผลิตกุ้งก้ามกรามเพศผู้ล้วนง่ายขึ้น จะลดต้นทุนการผลิต เพิ่มมูลค่าและเพิ่มโอกาสในการส่งออกกุ้งก้ามกรามไปสู่ตลาดโลก

ความโดดเด่นของผลงานและการต่อยอดผลงานสู่นวัตกรรม

งานวิจัยนี้เป็นการนำองค์ความรู้ที่มีมาพัฒนาต่อยอดเทคโนโลยีด้านชีวโมเลกุล ให้เป็นกรรมวิธีการผลิตกุ้งก้ามกรามแปลงเพศด้วยสารประกอบชีวโมเลกุลสำหรับกระตุ้นการแปลงเพศ โดยไม่ต้องผ่าตัดต่อมแอนโดรเจนนิค โดยสารประกอบชีวโมเลกุลสำหรับกระตุ้นการแปลงเพศกระตุ้นให้กุ้งก้ามกรามเพศผู้มีเพศสภาพภายนอกเป็นเพศเมียโดยไม่ต้องผ่าตัดเพื่อทำลายต่อมแอนโดรเจนิค ทำให้ได้แม่กุ้งก้ามกรามแปลงเพศ ซึ่งเมื่อผสมพันธุ์กับกุ้งเพศผู้จะให้ผลผลิตลูกกุ้งก้ามกรามเพศผู้ที่มีขนาดตัวใหญ่ โตเร็วและราคาสูงกว่ากุ้งก้ามกรามเพศเมีย จึงเป็นการเพิ่มมูลค่าและเพิ่มโอกาสการส่งออกกุ้งก้ามกราม ซึ่งส่งผลดีต่ออุตสาหกรรมกุ้งก้ามกรามไทยให้สามารถแข่งขันในตลาดโลก

ขอรับสิทธิบัตรการประดิษฐ์

1. เรื่อง สารประกอบชีวโมเลกุลสำหรับกระตุ้นการแปลงเพศในกุ้ง คำขอรับสิทธิบัตรเลขที่ 181006124
2. เรื่อง กรรมวิธีผลิตกุ้งแปลงเพศ คำขอรับสิทธิบัตรเลขที่ 181006125
   ยื่นรับคำขอ วันที่ 24 กันยายน พ.ศ. 2561